



TITLE:

化学生命科学研究領域の研究報告

AUTHOR(S):

緒方, 博之

CITATION:

緒方, 博之. 化学生命科学研究領域の研究報告. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2019, 2018: 23-24

ISSUE DATE:

2019-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/241152>

RIGHT:

化学生命科学研究領域の研究報告

Research Achievement of the Laboratory of Chemical Life Science

京都大学化学研究所化学生命科学研究領域 緒方博之

研究成果概要

京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用して、巨大ウイルスおよびウイルスゲノムの解析・関連ツール開発を行うと同時に、微生物生態学関連のバイオインフォマティクス研究を行った。

具体的には、(1)東京理科大との共同による巨大ウイルス・メドゥーサウイルスのゲノム解析(吉川元貴他)、トランスクリプトーム解析(吉田亘騎)、(2)生物炭素ポンプを駆動する真核ウイルスの同定(Roman Blanc-Mathieu、金子博人他)、(3)メガウイルス科ウイルスの多様性及び生物地理・環境動態の解析(三原知子他、李岩沢他、Florian Prodinger 他)、(4)北極圏における巨大ウイルスの生物地理(遠藤寿、夏駿)、(5)NCLDV の生物地理(遠藤寿、孟令傑)、(6)ウイルス新種発見ツールの開発(黒西愛)、(7)農学研究科との共同研究による、海洋ウイルスの局所的生産・日周変動の解析(吉田天士他)、(8)ウイルスーホストデータベースの開発(山本留美子他)、(9)アメーバを利用した巨大ウイルスの単離。ウイルス関連以外の研究では、(10)近畿大学との共同により、ガンキリンが腸内細菌叢に及ぼす影響の評価(西山拓輝他)、(11)腸内細菌叢のネットワーク解析(加藤恭崇他)、(12)KO の予測ツールの開発(荒巻拓哉他)、(13)珪藻、パルマ叢のゲノム解析(Roman Blanc-Mathieu 他)を行った。

発表論文(謝辞あり)

1. Yoshikawa G., Blanc-Mathieu R., Song C., Kayama Y., Mochizuki T., Murata K., Ogata H., Takemura M. Medusavirus, a novel large DNA virus discovered from hot spring water. J. Virol. doi: 10.1128/JVI.02130-18. (2019).
2. Inoue M., Nakamoto I., Omae K., Oguro T., Ogata H., Yoshida T., Sako Y. Structural and phylogenetic diversity of anaerobic carbon-monoxide dehydrogenases. Front. Microbiol. 9, 3353 (2019).
3. Li Y., Hingamp P., Watai H., Endo H., Yoshida T., Ogata H. Degenerate PCR primers to reveal the diversity of giant viruses in coastal waters. Viruses, 10, 496 (2018).
4. Arai W., Taniguchi T., Goto S., Moriya Y., Uehara H., Takemoto K., Ogata H., Takami H. MAPLE 2.3.0: an improved system for evaluating the functionomes of genomes and metagenomes. Biosci. Biotechnol. Biochem., 82, 1515-1517 (2018).
5. Mihara, T., Koyano, H., Hingamp, P., Grimsley, N., Goto, S., and Ogata H.; Taxon richness of “Megaviridae” exceeds those of Bacteria and Archaea in the ocean. Microbes Environ.,

33, 162-171 (2018).

6. Yoshida, T., Nishimura, Y., Watai, H., Haruki, N., Morimoto, D., Kaneko, H., Honda, T., Yamamoto, K., Hingamp, P., Sako, Y., Goto, S., and Ogata H.; Locality and diel cycling of viral production revealed by a 24 h time course cross-omics analysis in a coastal region of Japan. *ISME J.*, 12, 1287-1295, doi:10.1038/s41396-018-0052-x (2018).

発表論文(謝辞なし)

7. Caputi L., Carradec Q., Eveillard D., et al.; Community-level responses to iron availability in open ocean planktonic ecosystems. *Global Biogeochem. Cycles* (2019)
8. Roux S., Adriaenssens E.M., Dutilh B.E., et al.; Minimum Information about Uncultivated Virus Genomes (MIUViG): a community consensus on standards and best practices for describing genome sequences from uncultivated viruses. *Nat. Biotechnol.* 37, 29–37 (2019).
9. Piredda R., Claverie J.-M., Decelle J., et al.; Diatom diversity through HTS-metabarcoding in coastal European seas. *Sci. Rep.*, 8, 18059 (2018).
10. Endo H., Ogata H., Suzuki K.; Contrasting biogeography and diversity patterns between diatoms and haptophytes in the central Pacific Ocean. *Sci. Rep.*, 8, 10916 (2018).
11. Ogata H. Habitat Alterations by Viruses: Strategies by Tupanviruses and Others. *Microbes Environ.* 33, 117-119 (2018).